

Session 2 : Epidémiologie

Développement d'un modèle de simulation d'une épidémie foliaire tropicale à l'échelle de la plante: cas des cercosporioses du bananier.

Clara Landry⁽¹⁾, Francois Bonnot⁽²⁾, Virginie Ravigné⁽²⁾, Jean Vaillant⁽⁴⁾ Jean Carlier⁽²⁾, Christian Lannou⁽³⁾, Catherine Abadie⁽¹⁾

⁽¹⁾ CIRAD, UMR BGPI, Capesterre B.E., Guadeloupe

⁽²⁾ CIRAD, UMR BGPI, Montpellier

⁽³⁾ INRA, DR BIOGER, Grignon

⁽⁴⁾ Université Antilles Guyane (UAG), Pointe à Pitre, Guadeloupe

Les cercosporioses du bananier dues à *Mycosphaerella fijiensis* (agent de la maladie des raies noires (MRN) ou cercosporiose noire) et *M. musicola* (agent de la maladie de Sigatoka (MS) ou cercosporiose jaune) sont considérées comme les maladies foliaires les plus graves pour les productions bananières. Ces pathogènes sont présents dans la majorité des zones de cultures bananières intertropicales. Le contrôle de ces maladies indispensable pour l'exportation des fruits, consiste actuellement en des applications fréquentes de fongicides par voie aérienne, méthode néfaste pour l'environnement.

Un modèle de simulation des cercosporioses a été conçu pour approfondir les connaissances du pathosystème et tester de nouvelles méthodes de lutte, en particulier l'utilisation de variétés résistantes.

Un modèle mécaniste de simulation des cercosporioses en temps discret est en cours de développement. Il décrit, sans spatialisation et en conditions climatiques optimales, le développement de la maladie sur un bananier représentatif d'une parcelle pendant un cycle de culture. Ce modèle permettra d'évaluer l'efficacité de différentes composantes de résistance partielle dans le contrôle des cercosporioses et d'étudier la compétition entre les 2 espèces fongiques en cas d'invasion de la MRN (contexte parasitaire actuel en Martinique).

Il se décompose en deux sous-modèles, le premier simulant la croissance du bananier, le second simulant la propagation de l'épidémie.

Le sous modèle « croissance de la plante » est appréhendé de manière déterministe alors que le sous modèle « propagation de la maladie » est lui stochastique. Ce dernier décrit le fonctionnement du pathogène sur son hôte: contamination, reproduction asexuée (production de conidies), rencontre de lésions, reproduction sexuée (production d'ascospores), dispersion des spores.

Les données disponibles pour calibrer le modèle ont été recueillies au Cameroun (MRN) et aux Antilles (MRN et MS) en conditions naturelles d'infestation et en conditions contrôlées (croissance des lésions, nombre de spores émises par lésion).

L'estimation des paramètres de ce second sous-modèle a été réalisée dans un cadre Bayésien par le biais de techniques MCMC (Markov Chain of Monte Carlo). On obtient alors une distribution à posteriori de l'ensemble des paramètres du modèle ainsi qu'une distribution a posteriori de la variance résiduelle.

L'inférence des paramètres et les résultats des premières simulations seront présentés et discutés.